

Python em R

José Carlos Soares Junior

2022

A síndrome respiratória aguda grave (SRAG), é uma doença respiratória contagiosa que afeta os pulmões e pode levar a quadros graves de pneumonia. A SRAG pode ser causada por bactérias ou vírus, dois exemplos deste último são a Influenza (H1N1) e o coronavírus (Sars-CoV). No Brasil, quem desenvolve a vigilância da Síndrome Respiratória Aguda Grave é Ministério da Saúde (MS) por meio do Sistema de Informação da Vigilância Epidemiológica da Gripe (SIVEP-Gripe).

Os dados da vigilância de SRAG, embora registrados desde 2009, vinham sendo pouco usados com objetivo de análises e melhora da saúde pública. Durante a pandemia, com o objetivo disponibilizar plataformas interativas de monitoramento e análises de dados públicos cientificamente embasadas e disseminar informações de qualidade e relevantes acerca da área da saúde materno-infantil, foi criado o projeto Observatório Obstétrico Brasileiro (OObR).

Nesta breve análise, estarei utilizando os dados de crianças de até 28 dias de vida e que foram internadas confirmadas com SRAG, sendo registros de casos dos anos de 2017 à 2022 com a última atualização do dia 28 de Janeiro de 2022. Estes dados foram utilizados internamente pela equipe do OObR para análises com cunho científico, e que originalmente foram obtidos a partir do SIVEP-Gripe.

Meu objetivo é ter uma breve ideia do número de casos de SRAG e de óbitos durante esses anos.

```
# Carregando o reticulate  
library("reticulate")
```

```
# Carregando os dados  
import pandas as pd  
df = pd.read_csv("dados28dias.csv", encoding = "ISO-8859-1")
```

```
# Variáveis da base de dados  
names(py$df)
```

```
## [1] "ano"          "HOSPITAL"      "CLASSI_FIN"    "raca"  
## [5] "sexo"         "antiviral"     "dias_nasc_inter" "febre"  
## [9] "tosse"        "uti"           "hospital"      "evolucao"
```

```
# Selecionando as variáveis que serão usadas  
df1 = df.filter(["ano", "HOSPITAL", "evolucao"])
```

```
# Considerando apenas casos internados  
df1 = df1.query("HOSPITAL == 1")
```

```
# sumarização para a construção do gráfico  
casos_sumarizado <- as.data.frame(table(py$df1["ano"]))  
colnames(casos_sumarizado) <- c("ano", "n")
```

```
# Numero de casos totais por ano (Usando seaborn)
import seaborn as sb
chart = sb.barplot(r.casos_sumarizado["ano"], r.casos_sumarizado["n"])
```

```
chart.bar_label(chart.containers[0])
```

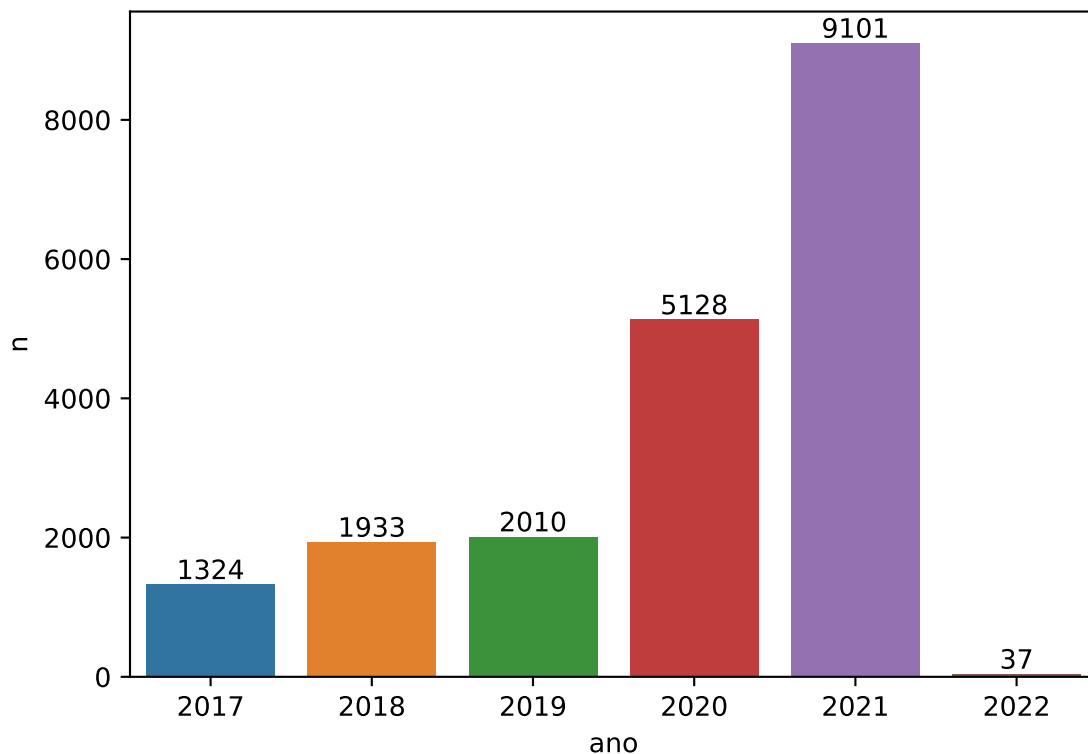


Figura 1: Número de casos totais de crianças de até 28 dias de vida com SRAG entre 2017 e 2022.

Na *Figura 1* podemos notar um aumento expressivo de casos durante os anos de 2020 e 2021, exatamente no período de alta da pandemia da COVID-19. Podemos notar que em 2022 temos poucos casos, mas isso se deve pelo fato de que os dados considerados são de uma atualização do mês de Janeiro desse ano.

```
# Considerando apenas casos que foram a obito
dflobitos = df1.query("evolucao == 'Obito'")
```

```
# summarização para a construção do grafico (obitos)
casos_sumarizado <- as.data.frame(table(py$dflobitos["ano"]))
colnames(casos_sumarizado) <- c("ano", "n")
```

```
# Numero de obitos totais por ano
chart = sb.barplot(r.casos_sumarizado["ano"], r.casos_sumarizado["n"])
```

```
chart.bar_label(chart.containers[0])
```

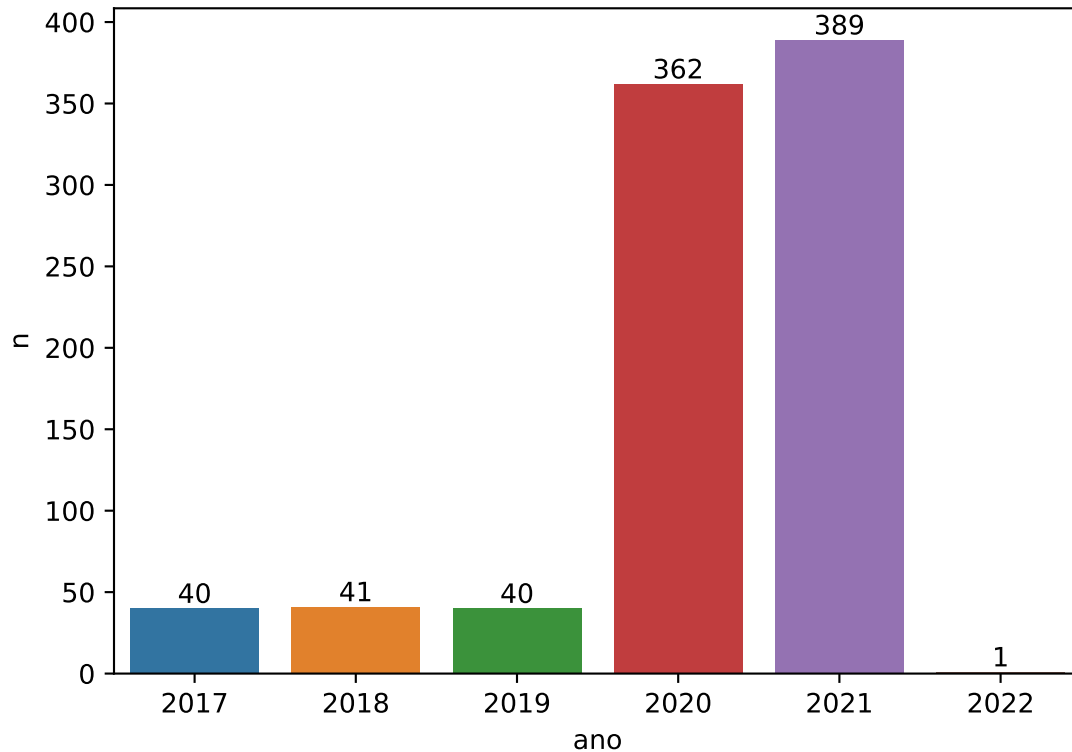


Figura 2: Número de obitos totais de crianças de ate 28 dias de vida com SRAG entre 2017 e 2022.

Podemos notar pela *Figura 2* que o número de óbitos dessa população também foi expressivo nos anos de 2020 e 2021 se comparado com os anos anteriores.

Com ambas as figuras conseguimos ‘insights’ sobre o comportamento de SRAG na população de crianças de até 28 dias de vida, onde esses gráficos sugerem um aumento de casos e de óbitos nos anos de 2020 e 2021, cuja causa possa ser em decorrência da pandemia de COVID-19 nesse período.